

Marcadores moleculares para la conservación de la Biodiversidad: una mirada a los modelos animales

José Gregorio Martínez

- Grupo de Investigación Biociencias, Facultad de Ciencias de la Salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia Medellín, Colombia.
- Grupo de pesquisa em Genética Molecular e Citogenética, Laboratório de Genômica e Proteômica, Escola Superior de Ciências da Saúde, Universidade do Estado do Amazonas, Manaus, Brasil.
- Laboratório de Evolução e Genética Animal, Departamento de Genética, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Brasil.

El uso de marcadores moleculares para la identificación de especies animales con algún grado de amenaza, se ha convertido en la herramienta más promisoría en el campo de la biología de la conservación. La información sobre la diversidad genética, patrones de estructura y relaciones de ancestralidad de las formas de vida silvestre a nivel de especies, son necesarias para determinar las poblaciones genéticamente deterioradas, sus límites espaciales y grados de relación histórica o recientes, permitiendo el establecimiento de mejores planes de manejo operacionales para su conservación. La clasificación precisa de estas especies amenazadas permite comprender su biología.

Los marcadores moleculares nucleares tipo SNPs o microsatélites, son herramientas versátiles para la identificación de poblaciones; mientras que los marcadores mitocondriales nos permiten resolver las incertidumbres taxonómicas y relaciones históricas. Así mismo, han permitido establecer tres unidades de conservación básicas sobre las cuales operar: Unidades Evolutivas Significativas-UES (poblaciones monofiléticamente recíprocas y con aislamiento reproductivo), Unidades de Manejo-UM (poblaciones locales demográficamente independientes dentro de las UES) y Unidades Adaptativas (conjunto de UM con discontinuidad ecológica). El análisis de marcadores genéticos también proporciona herramientas sensibles y útiles para la prevención de la caza ilegal y la caza furtiva y para una implementación más efectiva de las leyes para la protección de las especies en peligro de extinción.

Dos metodologías han sido desarrolladas para la delimitación de unidades de conservación: 1) metodología genética tradicional, basada en marcadores microsátelites (marcadores nucleares neutros) + marcadores mitocondriales (Moritz 1994, 1999, 2002) , explorando solo la variación neutra y; 2) metodología genómica moderna, basada en marcadores SNPs (neutros y adaptativos), que explora tanto la variación neutra como la adaptativa, haciendo uso tanto de las frecuencias alélicas para análisis poblacional como de secuencias (RADs) para análisis de relaciones de ancestralidad (Frankham 2003; Kohn et al. 2006; Funk et al. 2012). No existe una metodología ideal, su uso apenas dependerá de los objetivos del investigador, la facilidad de recursos logísticos, financieros y humanos calificados. En cualquier caso, los marcadores moleculares genéticos o genómicos llegaron para optimizar y priorizar los esfuerzos de conservación de especies y sus poblaciones en el corto, mediano y largo plazo, a través de la facilitación de toma de decisiones políticas basados en datos objetivos de la distribución, organización espacial y estado de la diversidad de dichas entidades biológicas en la naturaleza.

Bibliografía

- Frankham R (2003) Genetics and conservation biology. 326:22–29.
[https://doi.org/10.1016/S1631-0691\(03\)00023-4](https://doi.org/10.1016/S1631-0691(03)00023-4)
- Funk WC, McKay JK, Hohenlohe P a, Allendorf FW (2012) Harnessing genomics for delineating conservation units. Trends Ecol Evol 27:489–96.
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.05.012>
- Kohn MH, Murphy WJ, Ostrander E a, Wayne RK (2006) Genomics and conservation genetics. Trends Ecol Evol 21:629–37.
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.08.001>
- Moritz C (1994) Defining evolutionarily significant units for conservation. Trends Ecol Evol 9:373–375
- Moritz C (1999) Conservation units and translocations: strategies for conserving evolutionary processes. Hereditas 130:217–228
- Moritz C (2002) Strategies to Protect Biological Diversity and the Evolutionary Process that Sustain It. Syst Biol 51:238–254